

[illegible]

Fig 2. cont.

210 215 220 222 225 228 232
C N V N H K P S N T K V D K K V E P K S
TGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCT 778
HINGE⇒

235 240 245 250
C D K T H T C P P C P A P E L L G G P S
TGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCA 838
C_H2⇒

255 260 265 270
V F L F P P K P K D T L M I S R T P E V
GTCTTCCTCTTCCCCCAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTC 898

275 280 285 290 292
T C V V V D V S H E D P E V K F N W Y V
ACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTG 958

295 299 300 305 310 314 317
D G V E V H N A K T K P R E E Q Y N S T
GACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACG 1018

320 325 330 335
Y R V V S V L T V L H Q D W L N G K E Y
TACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTAC 1078

340 345 350 355 357
K C K V S N K A L P A P I E K T I S K A
AAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCC 1138

360 363 365 370 375 378 381
K G Q P R E P Q V Y T L P P S R D E L T
AAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGATGAGCTGACC 1198
C_H3⇒

385 390 395 400 402
K N Q V S L T C L V K G F Y P S D I A V
AAGAACCAGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTG 1258

405 408 410 414 415 420 425
E W E S N G Q P E N N Y K T T P P V L D
GAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGAC 1318

430 433 435 440 445 450
S D G S F F L Y S K L T V D K S R W Q Q
TCCGACGGCTCCTTCTTCTCTACAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAG 1378

455 460 465 470
G N V F S C S V M H E A L H N H Y T Q K
GGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAG 1438

475
S L S L S P G K *
AGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGAGTGCGACGGCCGGCAAGCCCCCGCTCCCCGGGC 1498
TCTCGCGGTGCGACGAGGATGCTTGGCACGTACCCCGTGTACATACTTCCCGGGCGCCCA 1558
GCATGGAAATAAAGCACCCAGCGCTGCCCTGGGCCCTGCGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 1617

Fig.2.

-19

M D W T W R F L

TCTAAAGAAGCCCCTGGGAGCACAGCTCATCACCATGGACTGGACCTGGAGGTTCTC 58
SIGNAL⇒

1 5

F V V A A A T G V Q S Q M Q V V Q S G A
TTTGTGGTGGCAGCAGCTACAGGTGTCCAGTCCCAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCT 118
FR1⇒

10 15 20 25

E V K K P G S S V T V S C K A S G G T F
GAAGTAAAGAAGCCTGGGTCCTCGGTGACGGTCTCCTGCAAGGCATCTGGAGGCACCTTC 178

30 31 32 33 34 35 40 45

S N Y A I S W V R Q A P G Q G L E W M G
AGCAACTATGCTATCAGCTGGGTGCGACAGGCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGA 238
CDR1⇒ FR2⇒

50 51 52 a 53 54 55 56 57 58 59 60 61 62 63 64 65

G I I P L F G T P T Y S Q N F Q G R V T
GGGATCATCCCTCTTTTTGGTACACCAACCTACTCACAGAACTTCCAGGGCAGAGTCACG 298
CDR2⇒ FR3⇒

70 75 80 82 a b c 83 85

I T A D K S T S T A H M E L T S L R S E
ATTACCGCGGACAAATCCACCAGCACAGCCCACATGGAGCTGACTAGCCTGAGATCTGAG 358

90 95 96 97 98 99 100 a b c d e

D T A V Y Y C A T D R Y R Q A N F D R A
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGACAGATCGCTACAGGCAGGCAAATTTTGACCGGGCC 418
CDR3⇒

f g h i k 101 102 105 110 115

R V G W F D P W G Q G T L V T V S S A S
CGGGTTGGCTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCAACGTCTCCTCAGCCTCC 478
FR4⇒ C_H1⇒

120 125 130 133 135

T K G P S V F P L A P S S K S T S G G T
ACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACA 538

140 145 150 154 156 162

A A L G C L V K D Y F P E P V T V S W N
GCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGTGGAAC 598

165 169 171 175 180 182

S G A L T S G V H T F P A V L Q S S G L
TCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCCTACAGTCTCAGGACTC 658

185 190 195 200 203 205

Y S L S S V V T V P S S S L G T Q T Y I
TACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATC 718

FIG 3

-19

M A W A L L L L T
CAAGAGGCAGCGCTCTCGGGACGTCTCCACCATGGCCTGGGCTCTGCTGCTCCTCACC 58
SIGNAL⇒

1 5 9 11
L L T Q D T G S W A Q S A L T Q P A S V
CTCCTCACTCAGGACACAGGGTCCTGGGCCAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTG 118
FR1⇒

15 20 24 25 26 27 d e f 28
S G S P G Q S I T I S C T G T N N D V G
TCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCCTGGAACCAACAATGATGTTGGG 178
CDR1⇒

29 30 31 32 33 34 35 40 45
S Y N L V S W Y Q Q H P G K A P K I M I
AGTTATAACCTTGTCTCCTGGTACCAGCAGCACCCAGGCAAAGCCCCAAAATCATGATT 238
FR2⇒

50 51 52 53 54 55 56 60 65
Y E V S K R P S G V S N R F S G S K S G
TATGAGGTCAGTAAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGC 298
CDR2⇒ FR3⇒

70 75 80 85
N T A S L T I S G L Q A E D E A D Y Y C
AACACGGCCTCCCTGACAATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGC 358

89 90 91 92 93 94 95 a 96 97 100 106 a
C S Y A G S Y T V V F G G T K L T V L
TGCTCATATGCAGGTAGTTACACTGTGGTTTTTCGGCGGAGGGACCAAACCTGACCGTCCTA 418
CDR3⇒ FR4⇒

107 110 115 120 125
G Q P K A A P S V T L F P P S S E E L Q
GGTCAGCCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGTTCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAA 478
C₁⇒

130 135 140 145
A N K A T L V C L I S D F Y P G A V T V
GCCAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATAAGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAGTG 538

150 155 160 165
A W K A D S S P V K A G V E T T T P S K
GCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGTCAAGGCGGGAGTGAGACCACCACACCCTCCAAA 598

168 170 175 180 185
Q S N N K Y A A S S Y L S L T P E Q W K
CAAAGCAACAACAAGTACGCGGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCTGAGCAGTGGAAG 658

190 195 200 203 205
S H R S Y S C Q V T H E G S T V E K T V
TCCCACAGAAGCTACAGCTGCCAGGTACGCATGAAGGGAGCACCGTGAGAAGACAGTG 718

Fig 3. cont.

210

215

A P T E C S *

GCCCCTACAGAATGTTTCATAGGTTCTAAACCCTCACCCCCCCCACGGGAGACTAGAGCTG 778

CAGGATCCCAGGGGAGGGGTCTCTCCTCCCACCCCAAGGCATCAAGCCCTTCTCCCTGCA 838

CTCAATAAACCCCTCAATAAATATTCTCATTGTCAATCACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 898

AAAA 902

[illegible]

Fig. 4 cont.

	60	70	80
Human	CAAAGTGGGGTCACATCAAGGTT	CAGTGGCAGTCTGGGACAGACTT	CACCTCTCACCATCAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTCTGCA
CynoK1	---A-TC-C-TC---	---C-TC---	---C-TC---
CynoK2	---C-TC---	---C-TC---	---C-TC---
CynoK4	---A-TC-C-TC---	---C-TC---	---C-TC---
CynoK5	---C-GAC---	---G-A-C-T-T---	---A-G-AA---AG-G-GG---G-GT-GG
CynoK9	---C---	---C---	---C---
CynoK12	---GA---	---C-T---	---A-T-ATCC-G-G-G---C-G---G
CynoK14	GCCTC---A---C-GAC---	---G-G-AC-T-T---	---A-C-AA---AG-G-GG---G-GT-GG
CynoK15	---C---	---G-A---	---C---
CynoK18	---C---	---A---	---C---
CynoK20	---C---	---G-A---	---C---
Rabbit	GC-TC---	---AA---	---G-CG---G-G---G-G---C
Mouse	T-C-T---	---CA---	---T-G---G-A-GGT---CCTCA---

CDR3 *****

	90	95 a	100
Human	ACTTACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCTG	ATCACCTTCGGCCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAA	
CynoK1	GT---T---	---C-C---T---GA---C---	TA---GT---T---G---CAA-G---C-C---CGA
CynoK2	---T---	---G-A-T---TA---CT---	C---T---T---GG---CAAAGG---C---CGA
CynoK4	---T---	---G-T-A---TG---CT---	C---T---T---GG---CAAAGG---C---CGA
CynoK5	GT---T---	---CATG---AGC-CTTC-GT-T-CT---	TGG---G---CAAAGG---A-C-G-CGA
CynoK9	---T---	---G---TG---C---	TA---GT---T---G---CAA-G---C---CGA
CynoK12	GA---	---T---C-A-G---T-T-CT---	CGG---G---CAAAGG---A-C---CGA
CynoK14	GT---T---	---CATG---ATA-ACACAC-TT-CA---	T---T---CC---CAA---T-C---CGA
CynoK15	---T---	---CG---TA-A-T-C-TA---CA---	TA---GT---T---G---CAA-G---C---CGA
CynoK18	---T---	---GA-A---TAT-CT---	T---T---GG---CAAAGG---C---CGA
CynoK20	---T---	---ATA-A-T---TA---CT---	CCG---G---CAAAGG---A-C---CGA
Rabbit	---C---	---T-GGC---G-T---GTAGCGAT-CTG-T---	CGAG---CGAG---CCT-TGT
Mouse	CA---T---	---GC---TT---CTAT-CT---	C---G---TGCT---CAAG---C-G---CGG

CDR2

[illegible]

Fig. 6

	110	120	130
Human	ACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAAC		
Cynomolgus	G-----G-T--G-----T-----		
Rabbit	GA-CCAAT--G-TA-----C-C-C--T--C--C-A--A--A-T-A-CA-C-----G-GCA-----A		
Mouse	G--AT-----A--A-C-----A--CAG-----A-C-----GG-----A-C-----T-CT-----C--		
	140	150	160
Human	TTCTATCCCGAGAGGCCAAAGTACAGTGGAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTAACCTCCAGGAGAGTGTACAGAGCAGGACAGC		
Cynomolgus	-----GC--A-----GGT-----A--A--A-----		
Rabbit	---CG---AT---CAT---CC---CACC-----G---AAA---CA-A-CGG-AT-G--A-C---ACA---CC---AG-CC---		
Mouse	-----C-----A---CAT---T---CA-----A-T---GG-AGTGAA-G-CAAAA-GG-GT--T-A-C---TGG--T--T-----		
	170	180	190
Human	AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAGCAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCCTGCGAAGTCACCCAT		
Cynomolgus	-----A-----G-----GCA-A-----C--GT-----T-----		
Rabbit	G-A--T-T-----A-----T--T-A-----C-----C-G--A-C-GC---GC-G--A-----G-GGT--		
Mouse	--A-----A-G-----C--T--C--G-AC--G--T--ACG---T--CAG---TA---T-G-C---T--C		
	200	210	
Human	CAGGSCCTGAGCTCGCCCCGTCAACAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTAG		
Cynomolgus	-----C-----		
Rabbit	--CAA-TC-G---AG-GA--GTCC-----T-----T--C-----		
Mouse	A--ACATCA-CT--A---A-TGTC-----AAT-----		

Fig. 7.

	110	120	130	140	150	
Human	T V A A P S V F I F P P S	D E Q L K S G T A S V C L L N N F Y P R E A K V Q W L V D N A				
Cynomolgus	A - - - - -	E D - V - - - - -				
Rabbit	D P I - - - - -	T T E - - - - -				
Mouse	A D - - - - -	S - - - - -				
	160	170	180	190		
Human	L Q S G N S Q E S V T Q Q D S K D S T Y S L S S T L T L S K A D Y E K H K L Y A C E V T H					
Cynomolgus	- K T D - - - - -	- - - - -				
Rabbit	I - Q S G I E N - T - P - S P E - C - - - - -					
Mouse	E R Q N G V L N - W - D - - - - -					
	200	210				
Human	Q G L S S P V T K S F N R G E C					
Cynomolgus	- - - - -	- - - - -				
Rabbit	N S G - A I V Q - - - - -					
Mouse	K T S T - - I V - - - - -					

Fig. 2.

-19

TCTAAAGAAGCCCCTGGGAGCACAGCTCATCACCATGGACTGGACCTGGAGGTTTCCTC 58
M D W T W R F L
SIGNAL⇒

1 5
F V V A A A T G V Q S Q M Q V V Q S G A
TTTGTGGTGGCAGCAGCTACAGGTGTCCAGTCCCAGATGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCT 118
FR1⇒

10 15 20 25
E V K K P G S S V T V S C K A S G G T F
GAAGTAAAGAAGCCTGGGTCTCGGTGACGGTCTCCTGCAAGGCATCTGGAGGCACCTTC 178

30 31 32 33 34 35 40 45
S N Y A I S W V R Q A P G Q G L E W M G
AGCAACTATGCTATCAGCTGGGTGCGACAGGCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGA 238
CDR1⇒ FR2⇒

50 51 52 a 53 54 55 56 57 58 59 60 61 62 63 64 65
G I I P L F G T P T Y S Q N F Q G R V T
GGGATCATCCCTCTTTTGGTACACCAACCTACTCACAGAACTTCCAGGGCAGAGTCACG 298
CDR2⇒ FR3⇒

70 75 80 82 a b c 83 85
I T A D K S T S T A H M E L T S L R S E
ATTACCGCGGACAAATCCACCAGCACAGCCACATGGAGCTGACTAGCCTGAGATCTGAG 358

90 95 96 97 98 99 100 a b c d e
D T A V Y Y C A T D R Y R Q A N F D R A
GACACGGCCGTGTATTACTGTGCGACAGATCGCTACAGGCAGGCAAATTTGACCGGGCC 418
CDR3⇒

f g h i k 101 102 105 110 115
R V G W F D P W G Q G T L V T V S S A S
CGGGTTGGCTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGCACCCCTGGTCACCGTCTCCTCAGCCTCC 478
FR4⇒ C_H1⇒

120 125 130 133 135
T K G P S V F P L A P S S K S T S G G T
ACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACA 538

140 145 150 154 156 162
A A L G C L V K D Y F P E P V T V S W N
GCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGGAAC 598

165 169 171 175 180 182
S G A L T S G V H T F P A V L Q S S G L
TCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTACAGTCTCAGGACTC 658

185 190 195 200 203 205
Y S L S S V V T V P S S S L G T Q T Y I
TACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATC 718

Fig 2. cont.

210 215 220 222 225 228 232
C N V N H K P S N T K V D K K V E P K S
TGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAAAGTTGAGCCCAAATCT 778
HINGE⇒

235 240 245 250
C D K T H T C P P C P A P E L L G G P S
TGTGACAAACTCACACATGCCACCGTGCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCGTCA 838
C_H2⇒

255 260 265 270
V F L F P P K P K D T L M I S R T P E V
GTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTC 898

275 280 285 290 292
T C V V V D V S H E D P E V K F N W Y V
ACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTG 958

295 299 300 305 310 314 317
D G V E V H N A K T K P R E E Q Y N S T
GACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCAG 1018

320 325 330 335
Y R V V S V L T V L H Q D W L N G K E Y
TACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTAC 1078

340 345 350 355 357
K C K V S N K A L P A P I E K T I S K A
AAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCC 1138

360 363 365 370 375 378 381
K G Q P R E P Q V Y T L P P S R D E L T
AAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGATGAGCTGACC 1198
C_H3⇒

385 390 395 400 402
K N Q V S L T C L V K G F Y P S D I A V
AAGAACCAGGTGACCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTG 1258

405 408 410 414 415 420 425
E W E S N G Q P E N N Y K T T P P V L D
GAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGAC 1318

430 433 435 440 445 450
S D G S F F L Y S K L T V D K S R W Q Q
TCCGACGGCTCCTTCTCTCTACAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAG 1378

455 460 465 470
G N V F S C S V M H E A L H N H Y T Q K
GGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAG 1438

475
S L S L S P G K *
AGCCTCTCCCTGTCTCCGGGTAAATGAGTGCGACGGCCGGAAGCCCCCGCTCCCCGGGC 1498
TCTCGCGGTGCGACGAGGATGCTTGGCACGTACCCCGTGTACATACTTCCCGGGCGCCCA 1558
GCATGGAAATAAAGCACCCAGCGCTGCCCTGGGCCCCTGCGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 1617

FIG 3

-19

M A W A L L L L T
CAAGAGGCAGCGCTCTCGGGACGTCTCCACCATGGCCTGGGCTCTGCTGCTCCTCACC 58
SIGNAL⇒

1 5 9 11
L L T Q D T G S W A Q S A L T Q P A S V
CTCCTCACTCAGGACACAGGGTCCTGGGCCAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTG 118
FR1⇒

15 20 24 25 26 27 d e f 28
S G S P G Q S I T I S C T G T N N D V G
TCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCACCATCTCCTGCACTGGAACCAACAATGATGTTGGG 178
CDR1⇒

29 30 31 32 33 34 35 40 45
S Y N L V S W Y Q Q H P G K A P K I M I
AGTTATAACCTTGTCTCCTGGTACCAGCAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAATCATGATT 238
FR2⇒

50 51 52 53 54 55 56 60 65
Y E V S K R P S G V S N R F S G S K S G
TATGAGGTCAGTAAGCGGCCCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGC 298
CDR2⇒ FR3⇒

70 75 80 85
N T A S L T I S G L Q A E D E A D Y Y C
AACACGGCCTCCCTGACAATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGC 358

89 90 91 92 93 94 95 a 96 97 100 106 a
C S Y A G S Y T V V F G G G T K L T V L
TGCTCATATGCAGGTAGTTACACTGTGGTTTTTCGGCGGAGGGACCAAACCTGACCGTCCTA 418
CDR3⇒ FR4⇒

107 110 115 120 125
G Q P K A A P S V T L F P P S S E E L Q
GGTCAGCCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGTTCCCGCCCTCCTCTGAGGAGCTTCAA 478
C_A⇒

130 135 140 145
A N K A T L V C L I S D F Y P G A V T V
GCCAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATAAGTGACTTCTACCCGGGAGCCGTGACAGTG 538

150 155 160 165
A W K A D S S P V K A G V E T T T P S K
GCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGTCAAGGCGGGAGTGAGACCACCACACCCTCCAAA 598

168 170 175 180 185
Q S N N K Y A A S S Y L S L T P E Q W K
CAAAGCAACAACAAGTACGCGGCCAGCAGCTATCTGAGCCTGACGCCTGAGCAGTGGAAG 658

190 195 200 203 205
S H R S Y S C Q V T H E G S T V E K T V
TCCACAGAAGCTACAGCTGCCAGGTACGCATGAAGGGAGCACCGTGGAAGAAGACAGTG 718

210

215

A P T E C S *

GCCCCTACAGAATGTTTCATAGGTTCTAAACCCTCACCCCCCCCACGGGAGACTAGAGCTG 778

CAGGATCCCAGGGGAGGGGTCTCTCCTCCCACCCCAAGGCATCAAGCCCTTCTCCCTGCA 838

CTCAATAAACCTCAATAAATATTCTCATTGTCAATCACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 898

AAAA 902

Fig. 4

CDRI

27 a b c
20
10
GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAG
-----T-----C-----G-----T-----C-----A-----
-----T-----C-----T-----T-----G-----T-----A-----G-----
-----T-----C-----CT-----C-C-TCAG-C-T-----GTCG-C-T-----T-C-----
-----T-----C-----T-----G-----C-----C-----A-----
-----T-----C-----T-----G-----C-----C-----T-----
-----T-----C-----T-----TC-----A-----T-----G-----
-----T-----C-----T-----G-----C-----C-----T-----
-----T-----C-----T-----G-----G-----G-----C-----G-----
-C-C-GT-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----C-----G-----
-----T-----T-----A-T-T-----TG-----TGA-A-C-A-TA-G-AG-----T-G-----ACT-CTC-G-AGCCTTTAT

Human
CynoK1
CynoK2
CynoK4
CynoK5
CynoK9
CynoK12
CynoK14
CynoK15
CynoK18
CynoK20
Rabbit
Mouse

CDR2

50
40
30
d e f
AGCATTAGCAATTATTAAATTGGTATCAACAGAAACCAGGAAAGCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTTG
G-----G-----G-----G-----G-----T-----
G-----C-----G-----G-----G-----TA-----AA-----
-----C-----G-----ATT-----AGG-----
G-----G-----G-----G-----A-----T-----
GA-----A-----GTC-----G-----
G-----C-----G-----G-----G-----C-----C-T-----T-----AG-TT-----ACCG-----
G-----A-----GCC-----G-----G-----A-----T-----G-----AAG-----C-----
G-----A-----GCC-----G-----G-----CA-----A-----
-A-----TA-----GC-C-----GCC-----G-----C-GC-T-----C-----G-----C-C-----
TCAAGCAAAACA-AAGGTGC-C-C-GGC-----C-GA-----A-C-T-T-----A-G-----A-C-GG-----ACCGA

Human
CynoK1
CynoK2
CynoK4
CynoK5
CynoK9
CynoK12
CynoK14
CynoK15
CynoK18
CynoK20
Rabbit
Mouse

	60	70	80
Human	CAAAGTGGGGTCACATCAAGGTT	CAGTGGCAGTGGGACAGACTT	CACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAACCTGAAGATTCTGCA
CynoK1	-----A-TC-C-TC-----	C-----T-----	C-----G-----
CynoK2	GC-----C-----C-----	A-----	C-----G-----
CynoK4	-----A-TC-C-TC-----	C-----G-T-----	C-----G-----T-C
CynoK5	-----C-GAC-----	C-----G-A-C-T-T-----	A-G-AA-----AG-G-GG-----G-GT-GG
CynoK9	-----C-----C-----	A-----	C-----A-----T
CynoK12	-----GA-----C-----	C-----G-----C-T-----	C-----A-T-ATCC-G-G-G-----C-G-----G
CynoK14	GCCTC--A--C--GAC-----	G-G-AC-T-T-----	A-C-AA-----AG-G-GG-----G-GT-GG
CynoK15	-----C-----C-----	G-A-----	C-----G-----T
CynoK18	G-----C-----C-----	A-----	C-----G-----T
CynoK20	G-----C-----C-----	G-A-----	C-----G-----T
Rabbit	GC-TC--C--GC--AA-----	A-----G-A-----	G-CG-----G-G-----G-C-----C
Mouse	T-C-T-----C-TGATC-C--CA-----	T-----G-----	G-A-GGT-----CCTCA

* * *

	90	95 a	100
Human	ACTTACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCTG		ATCACCTTCGGCCAAAGGACACGACTGGAGATTAAA
CynoK1	GT---T---C-C---T---GA-C-		TA-GT-T---G---CAA-G---C---CGA
CynoK2	---T---G-A-T---TA-CT		C---T---GG---CAAGG---C---CGI
CynoK4	---T---G-T-A---TG---CT		C---T---GG---CAAGG---C---CGA
CynoK5	GT---T---CATG-AGC-CTTC-GT-T-CT		TGG-G---CAAGG---A-C-G-CGA
CynoK9	---T---T---G---TG---C-		TA-GT-T---G---CAA-G---C---CGA
CynoK12	GA---T---C-A-G---T-T-CT		CGG-G---CAAGG---A-C---CGA
CynoK14	GT---T---CATG-ATA-ACACAC-TT-CA		T---T---CC---CAA---T-C---CGA
CynoK15	---T---CG---TA-A-T-C-TA-CA		TA-GT-T---G---CAA-G---C---CGA
CynoK18	---T---GA-A---TAT-CT		T---T---GG---CAAGG---C---CGA
CynoK20	---T---T---ATA-A-T---TA-CT		CCG-G---CAAGG---A-C---CGA
Rabbit	---C---T-GGC---G-T---GTAGCGAT-CTG-T		---GG---CGAG---CCT-TGT
Mouse	CA---T---GC---TT---CTAT-CT		C---G---TGCT---CAAG---C-G---CGG

Fig. 5

[illegible]

	CDR2																																															
	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*																																						
	50					60					70					80																																
40	P	G	K	A	P	K	L	I	Y	A	A	S	S	L	Q	S	G	V	T	S	R	F	S	G	S	G	S	G	T	D	F	T	L	T	I	S	S	L	Q	P	E	D	S	A				
Human	-	-	-	-	-	E	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	I	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-			
CynoK1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-			
CynoK2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y	N	-	-	A	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
CynoK4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	I	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
CynoK5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	D	-	-	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	K	-	R	V	E	A	-	-	-	-	-	-		
CynoK9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
CynoK12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	R	-	-	D	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
CynoK14	-	-	-	-	-	-	-	-	-	E	V	-	N	R	A	-	-	P	D	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
CynoK15	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	K	-	T	-	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
CynoK18	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	E	-	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
CynoK20	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	R	-	E	-	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Rabbit	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	-	T	-	A	-	-	P	-	-	-	-	K	-	R	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Mouse	-	-	E	Q	S	-	-	-	-	-	G	-	N	R	Y	I	-	P	D	-	-	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

CDR3

[illegible]

Fig. 6

Human	110	120	130
Cynomolgus	ACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAAC		
Rabbit	GA-CCAAT--G-TA--C-C--A--A--C--C--T--C--T--C--A--A--T--A-CA-C--G--GCA--A		
Mouse	G--AT--A--A-C--A--CAG--A-C--GG--A-C--T-CT--C--		
Human	140	150	160
Cynomolgus	TTCTATCCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGAAGGTGGATAACGCCCTCCAAATCGGGTAACCCAGGAGAGTGTACAGAGCAGGACAGC		
Rabbit	CG--AT--CAT--CC--CACC--G--AAA--CA-A-CGG-AT-G--A-C--ACA--CC--AG-CC--		
Mouse	---C---A---CAT---T---CA---A-T---GG-AGTGAA-G-CAAAA-GG-GT---T-A-C---TGG---T---T---		
Human	170	180	190
Cynomolgus	AAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGCACCCTGACGCTGAGCAAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAAGTCTACGCTGCGAAGTCACCCCAT		
Rabbit	G-A--T-T--A--G--T-A--C--GCA-A--C--GT--T--T--		
Mouse	--A--T--A--G--T--C--T--C--G-AC--G--T--ACG--T--CAG--TA--T--G-C--T--C--		
Human	200	210	
Cynomolgus	CAGGCGCTGAGTCGCGCCGTCACAAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTAG		
Rabbit	--CAA-TC-G--AG-GA--GTCC--T--T--C--		
Mouse	A--ACATCA-CT--A--A-TGTC--AAT--		

	110	120	130	140	150
Human	T	V	A	A	P
Cynomolgus	A	-	-	-	-
Rabbit	D	P	I	-	-
Mouse	A	D	-	-	-

	160	170	180	190	200
Human	L	Q	S	G	N
Cynomolgus	-	K	T	D	-
Rabbit	I	-	Q	S	G
Mouse	E	R	Q	N	G

	210	220	230	240	250
Human	Q	G	L	S	S
Cynomolgus	-	-	-	-	-
Rabbit	N	S	G	-	A
Mouse	K	T	S	T	-